

大豆品种抗锈病遗传的研究^{*}

谈宇俊 孙永亮 单志慧^{*}

(中国农业科学院油料作物研究所)

摘 要

本研究利用4个对锈病抗性反应不同的大豆品种,配制双列杂交,并采用离体叶片人工接种鉴定 F_1 、 F_2 、 B_1C_1 、 B_1C_2 、杂种抗性的方法,研究了大豆抗锈病的遗传。研究结果表明,4个品种的抗锈性遗传基础显著不同,抗病品种PI459025的抗锈性受一个显性基因控制,耐病品种的耐病性受多基因控制,并有超显性作用存在。抗性的回交效应明显,受细胞核基因控制。抗性的一般配合力和特殊配合力均重要,抗性的广义遗传力和狭义遗传力均较高。

关键词 大豆锈病;抗性遗传;双列分析

引 言

大豆锈病(*Phakopsora pachyrhizi* Syd.)是目前世界大豆上的重要病害之一。该病在东南亚各国广泛流行,危害严重,并蔓延到大洋洲、非洲、拉丁美洲的30多个国家。目前大豆锈病在我国南方各省普遍发生且较为严重,有向北发展蔓延的趋势。发病后一般损失产量10—30%,严重时可达50%以上,早期发病甚至造成绝收。

培育抗病品种是防治大豆锈病的一种经济有效的途径。目前国内外均还没有理想的大豆抗锈品种。对于品种抗性的遗传基础、遗传行为尚不完全清楚,而使育种中的亲本选配,后代选择处理存在着盲目性。故开展抗性遗传的研究很有必要。

关于大豆锈病遗传的研究,据 Kochman 报导,抗病品种 PI200492 的抗锈性为一个显性基因控制。澳大利亚昆士兰大学的植物病理学家研究表明,PI200492 与台农3号具有一个相同的抗性主效基因,台农4号有2个主效基因(Mclean 等1980)。Hartwig(1986)等研究报道不同大豆抗源的抗锈基因存在于不同的位点上,已发现至少有4个位点与大豆抗锈性

^{*} 本文为国家重点科技项目75—02—05—04资助项目研究内容,单志慧同志参加部分计算工作。

本文承蒙王国勋、余子林研究员修改审阅,特此致谢。

本文于1990年8月6日收到。 This paper was received on Aug. 6, 1990.

有关。

本试验拟通过双列杂交和人工接种鉴定,探索大豆抗锈性的遗传规律,为抗病育种提供理论依据。

材 料 和 方 法

(一)供试材料:

本研究选用一个抗病品种 PI459025,二个中感品种 AGS181、AGS129和一个高感品种猴子毛,共4个材料配成 4×4 的完全双列杂交,共6个组合(只做正交部分),各组合获得90粒杂交种籽,1/3 F_1 加代的 F_2 组合群体,1/3分别与父母本回交,1/3 F_1 种子保存。获得全部杂种后,将 F_1 、 F_2 、 B_1C_1 、 B_1C_2 及亲本材料进行人工接种鉴定。

(二)杂种后代抗病性鉴定:

将各杂种后代及亲本共28个材料播于温室,单粒播种,各处理均重复三次。当植株长出4~5片复叶时,取第二片复叶接种88-S锈菌夏孢子悬浮液。各处理取样数:亲本29-38株; F_1 15-37株; F_2 276-526株;回交为30-90株。接种后用培养皿保湿,置于24℃恒温培养。培养10-14天进行抗病反应型调查。

抗病反应型调查标准:

0级:无症状;1级:红色或紫色枯斑出现红色素,14-20天后形成少数孢子堆,少数孢子散出仍未见产生孢子;2级:产生黑色局限型病斑,孢子堆破裂,产生大量孢子,叶较绿;3级:接种一星期后开始形成孢子堆且破裂,病斑为扩散型,叶片孢子堆密布,叶片很快变黄。

(三)分析方法:

按各材料调查结果计算病情指数。为阐述方便起见,将病情指数转换为抗性率: $R\% = 1 - S\%$ 。按 Griffing II 分析抗性遗传属性、配合力、遗传力。

结 果 与 分 析

(一)亲本品种抗性鉴定结果分析:

本试验所用4个亲本品种接种大豆锈菌88-S,其抗性率如表1。

表1 亲本品种抗性率(%)

Table 1 The percentage of resistibility in parental varieties

品种 Variety	I	II	III	平均 Mean
猴子毛 Houzhimao	0	0	0	0
AGS181	10.3	25.0	16.7	17.33
AGS129	30.6	33.3	33.3	32.42
PI459025	63.6	66.7	60.0	62.43

将表1中亲本品种的抗性率进行反正弦转换并进行方差分析和差异显著性测定,结果表明,品种间平均抗性率存在显著差异,各品种间的差异达到极显著水平。

(二)杂交世代抗性鉴定结果:

1. F_1 、 F_2 抗性鉴定结果:所配6个组合 F_1 、 F_2 杂种接种“88—S”菌株的抗性率(%)及其相应的双亲本抗性率平均值(\overline{MP})结果见表2。

由表2可见,6个组合的 $\overline{F_1}$ 和 $\overline{F_2}$ 杂种抗性率均高于其相应的双亲平均值,说明抗性具有显著的特点。从 $\overline{F_1}$ 的抗性反应看,前3个无抗病亲本的组合的 $\overline{F_1}$ 均为感病或中感,而后面3个有抗病亲本的组合的 $\overline{F_1}$ 杂种均为抗病,说明大豆的抗锈性和耐锈性(中感)为显性(或不完全显性)遗传。

表2 F_1 、 F_2 杂种抗性率(%)

Table 2 The percentage of resistibility of F_1 、 F_2 hybrids

组 合 Cross	$\overline{F_1}$	\overline{MP}	$\overline{F_2}$	$\overline{F_1}$ 抗性反应 Types of reaction
猴毛子×AGS181	33.30	8.67	19.62	S
猴毛子×AGS129	33.30	18.40	21.90	S
AGS181×AGS129	46.03	27.07	35.87	MS
AGS129×PI459025	55.57	49.62	51.80	R
猴毛子×PI459025	51.13	31.22	48.27	R
AGS181×PI459025	54.37	39.88	50.00	R

注:S表示感病,NS为中感,R为抗病。

$\overline{F_2}$ 与 $\overline{F_1}$ 在组合间的变化趋势相同,存在显著正相关($r=0.99^{**}$)。 $\overline{F_2}$ 均低于 $\overline{F_1}$,说明在 F_2 代中由于抗病性的分离,隐性感病植株的出现使群体抗性水平降低。

2. 回交一代抗性鉴定结果:各组合 F_1 植株与相应的母本回交(B_1C_1)和父本回交(B_1C_2)的抗性鉴定结果及其与相应组合 F_1 抗性率的比较如表3。

表3 回交一代抗性率(%)

Table 3 The percentage of resistibility in backcross hybrids

组 合 Cross	$\overline{B_1C_1}$	\overline{RP}	$\overline{B_1C_2}$	\overline{RP}	$\overline{F_1}$
猴毛子×AGS181	13.20	0	35.53	17.33	33.30
猴毛子×AGS129	23.73	0	36.20	32.42	33.30
AGS181×AGS129	35.33	17.33	40.50	32.42	46.03
AGS129×PI459025	47.20	32.42	57.10	62.43	55.57
猴毛子×PI459025	32.23	0	55.70	62.43	51.13
AGS181×PI459025	42.23	17.33	56.60	62.43	54.37

由表3可见,轮回亲本(\overline{RP})为低值的回交一代(B_1C_1)的抗性率均比相应的 F_1 抗性率低,轮回亲本为高值的回交一代(B_1C_2)的抗性率除 AGS181×AGS129外,均比相应的 F_1 抗性率高,说明抗性的回交效应明显,抗性受核基因控制。

(三)抗性配合力分析:

1. F_1 组合间方差显著性检验:将 F_1 抗性鉴定结果经反正弦转换后作方差分析,结果表明各组合间方差极显著,说明组合间存在真实的遗传基础差异。

2. 抗性配合力分析:配合力方差分析如表4。

表4 抗性配合力方差分析表

Table 4 Analysis of variance for combining ability of resistance

变 回 Variation origin	DF	SS	MS	F
一般配合力 General combining ability	3	1355.789	451.933	120.676**
特殊配合力 Specific combining ability	6	624.698	104.116	27.801**
误 差 Error	18	67.407	3.745	

表4表明一般配合力方差与特殊配合力方差均极显著,说明两者对抗性均重要,加性和显性作用均存在,但加性作用大于显性作用,即亲本抗性水平是第一重要的。

3. 亲本品种一般配合力效应值及其差异比较,结果表明4个品种间一般配合力效应差异均极显著,说明各品种间在抗性的遗传基础上是不同的。

表5 特殊配合力效应值及差异比较

Table 5 The specific combining ability effects and their difference comparison

组 合 Cross	SCA (x _{ij})	差 异 Difference			
猴子毛× AGS181	11.822 (35.24)				
猴子毛× PI459025	10.195 (45.65)	1.627			
猴子毛× AGS129	7.357 (35.24)	4.465	2.838		
AGS181× AGS129	3.105 (39.72)	8.717**	7.090**	4.252	
AGS181× PI459025	0.813 (45.0)	11.009**	9.382**	6.544**	2.292
AGS129× PI459025	-3.002 (48.42)	14.824**	13.197**	10.359**	6.107* 3.815
AGS129× AGS129	-3.73 (37.35)	15.552**	13.925**	11.087**	6.835** 4.543* 6.732**
PI459025× PI459025	-4.003 (52.22)	15.825**	14.198**	11.360**	7.108** 4.816* 7.005** 7.733**
AGS181× AGS181	-7.87 (24.28)	19.692**	18.065**	15.227**	10.975** 8.683** 10.872** 11.600** 11.873**
猴子毛× 猴子毛	-14.687 (0)	26.509**	24.882**	22.044**	17.792** 15.500** 17.689** 18.417** 18.690** 22.557**

LSD_{0.05}=4.496 LSD_{0.01}=6.432

4. 组合特殊配合力效应值及其差异比较:

6个杂交组合中以亲本差异较大的前3个组合的特殊配合力效应值较高,在这些组合中抗性基因的显性程度较高。在X_{ij}平均值中,除有PI459025的后代值高以外,其它各 \bar{X}_{ij} 值与S_{ij}的顺位是一致的。说明可根据该特殊配合力效应值进行选择,但从 \bar{X}_{ij} 值中可看出,选择有亲本PI459025的组合更为重要。

5. 抗性遗传力估算:根据抗性配合力分析中的方差分量,计算出抗性遗传力。

$$\text{广义遗传力} = V_g / (V_g + V_e) \times 100 = 98.3\%$$

$$\text{狭义遗传力} = (V_g - V_h) / V_p \times 100 = 52.7\%$$

广义遗传力高,说明抗性表现主要受遗传基础决定,但狭义遗传力远远低于广义遗传力,说明大豆抗锈性遗传基础中,尽管加性作用是第一重要的,但非加性作用也占有很大比例。

(四)F₂群体分离结果分析

有抗病性亲本的三个组合的F₂群体接种“88-S”菌株后各级别的植株数如表6。

表6 F₂群体抗性分离结果

Table 6 Progeny segregation of resistibility in F₂ population

组合 Cross	0	1(R)	2(MS)	3(S)	总数 Total	R:(MS+S)	X ²
AS129×PI459025		230	71	0	301	3.24:1	0.25
猴毛×PI459025		209	67	27	303	2:22:1	5.55
AGS181×PI459025		198	42	25	265	2.96:1	0.0013

注:X_{0.05}=3.84、X_{0.01}=6.631。

3个有抗病亲本组合F₂群体所表现出来的分离结果符合显性单基因遗传分离比例,说明抗病品种PI459025的抗锈性为显性单基因控制,这与前人的研究结果是相同的。经回交验证,B₁C₁的抗感比为1:0.875,1:1.33,1:1.33,用1:1的理论值测定X²为0.016,1.157,0.032。B₁C₂的抗感比为21:1,56:4,44:2。用1:1理论值测定X²为0.011,0.20,0.05。以上各数均低于V=0.05值,验证证明其分离比例符合3:1。

另外3个无抗病亲本的组合从F₁代的抗性率看(表2),耐病性存在超显性作用,而F₂代中也分离出少部分抗病性植株,这可能是非等位基因间存在的互补作用所致,而且不同组合间的这种基因互作(或超显性作用)又存在差异说明控制大豆耐锈性(中感)的遗传基础及基因互作方式可能比较复杂,具有多基因遗传的特点。

讨 论

1. 关于大豆抗锈性的遗传属性

本研究结果表明,杂种群体(F₁和F₂)抗性率平均值均高于组合双亲本抗性率的平均值,说明大豆对锈病的抗性为显性遗传。具有耐病性的中感品种与高感品种杂交,从数值上看还存在超显性作用。配合力分析中一般配合力方差和特殊配合力方差均极显著,说明抗性和耐病性存在显性作用。

回交一代的抗性率明显趋向于轮回亲本,说明抗性的回交效应明显,抗性受核基因控制。

2. 关于大豆抗锈性的受控基因问题

本研究结果表明,4个品种的抗性遗传基础是不同的。PI459025为抗病品种,抗锈性受显性单基因控制。耐病品种与耐病品种乃至与感病品种杂交,均产生超亲杂种优势,这是多基因累加乃至互补作用的表现,AGS129至少有一个耐病性受控位点与PI459025的抗锈

基因位点相同,AGS181没有。猴子毛为感病品种,抗性率和一般配合力效应值最低。

3. 抗锈遗传在育种上的应用

鉴于抗性的一般配合力和特殊配合力均重要,所以在育种中要尽量选用抗性强的材料作为亲本。由于大豆抗锈性的遗传力较高,而且抗性为显性遗传,所以育种上应从早代开始选择。由于抗性的显性作用占的比重较大,所以要注意连续选择,注重抗性加性基因的积累。

参 考 文 献

- [1] 廖伯寿、李文溶、孙大容,1986,花生青枯病抗性遗传的研究,中国油料 (3):1—8
- [2] 谈宇俊、孙永亮,1989,大豆锈病的鉴定技术,中国油料, (1):65—67
- [3] 马育华,1982,植物育种的量变遗传学基础,江苏科学出版社
- [4] 刘来福、毛盛贤、黄远樟,1984,作物数量遗传,农业出版社
- [5] Mclean, R. J. , and D. E. Byth. 1980. Inheritance of resistance to rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in soybean rust. J. Agric. Res. , Res. , 31:951—956
- [6] Hartwig, E. E. , and K. R. Bromfield. 1983. Relationships among three genes conferring specific resistance to rust in soybean. Crop Sci. , 23:237—239
- [7] Gartwig, E. E. 1986. Identification of fourth major gene conferring resistance to soybean rust. Crop Sci. , 20:1135—6

STUDY ON INHERITANCE OF RESISTANCE TO RUST IN SOYBEAN

Tan Yujun Sun Yongliang Shun Zhihui

(Oil Crops Research Institute, CAAS, Wuhan)

Abstract

Four soybean (*Glycine max* L.) lines differing in their reactions to rust (*phakopsora pachyrhizi* syl.) were used to make a diallel cross, and resistance identification in F_1 , F_2 , B_1C_1 and B_1C_2 by detached leaf inoculation in laboratory was conducted in this study to explore the inheritance of resistance in soybean to rust. The results revealed that the genetic backgrounds in the four genotypes for their reactions to rust were different. The resistance of the resistant line PI459025 was controlled by a single dominant gene, while the tolerance in AGS129 and AGS181 might be controlled by multiple genes and superdominance was also observed for tolerance. The backcrossing effects for resistance were significant which meant the resistance was controlled by nuclear gene(s). The general combining ability and specific combining ability for resistance were both important. The heritabilities of resistance were high.

Key words Soybean rust; Inheritance of resistance; Diallel analysis